云 南 植 物 研 究　1996; 增刊Ⅷ: 35—47
Acta Botanica Yunnanica

宽瓣豹子花核型的多态性研究*

虞 泓[1] 黄瑞复[1] 晏一祥[2]

([1]云南大学生物系，昆明 650091)　([1]云南大学进化生态学研究实验室，昆明 650091)

([2]云南教育学院生物系，昆明 650223)

摘要　本文以植物染色体常规技术和常规统计方法研究云南大理苍山宽瓣豹子花居群核型和染色体的多态现象。首先，描述了核型多态性，并总结了核型特征。核型多态性具体表现为染色体多态性。然后，统计分析了居群中染色体以下几个方面的特征：1. 同源染色体大小异形呈现不同程度的杂合性；2. 染色体相对长度的变异；3. 染色体臂比值（长臂／短臂）的变异；4. 染色体类型的变异；5. 染色体长度比值（最长染色体长度／最短染色体长度）的变异；6. 双着丝粒和B染色体的存在频率。研究认为苍山宽瓣豹子花居群核型和染色体的多态性为染色体结构变异所导致；观察到的双着丝粒染色体、B染色体和微核被认为是结构变异的产物，同时也是发生结构变异的证据。研究表明宽瓣豹子花与滇蜀豹子花一样，核型尚未趋于稳定，染色体还处于较强烈的结构变异中。染色体结构变异是居群中核型和染色体多态性形成的重要原因，也是其形态多态性的染色体遗传基础。苍山宽瓣豹子花居群不仅核型和染色体，而且形态均表现出丰富的多态性。染色体结构变异不仅是该居群内核型分化的一条重要途径，也是宽瓣豹子花种内分化的重要遗传基础。

关键词　苍山，宽瓣豹子花，居群，核型，染色体，多态性

STUDY ON THE KARYOTYPICAL POLYMORPHISM OF NOMOCHARIS MAIREI

YU Hong[1], HUANG Rui-Fu[1], YAN Yi-Xiang[2]

([1]*Biology Department, Yunnan University,* Kunming 650091)

([1]*Laboratory of Evolutionary Ecology, Yunnan University,* Kunming 650091)

([2]*Biology Department, Yunnan College of Education,* Kunming 650223)

Abstract　In the present paper, the karyotypical and chromosomal polymorphism were investigated in the population of *Nomocharis mairei* Lévl. from Canshan, Dali, Yunnan province. First of all, the karyotypical polymorphism was described in the population, and the karyotype character was summarized. The karyotypical polymorphism is showed as the chromosomal polymorphism in detail. Furthermore, statistics analyses, the following chromosome characters: 1. the heterozygosity of the length difference between two homologous chromosomes,

*国家自然科学基金(39170063)和中国科学院植物研究所系统与进化开放研究实验室资助

1994-12-06 收稿, 1995-05-31 修回

2. the variation of the relative length of chromosomes, 3. the variation of the arm ratio (long / short) of chromosomes, 4. the variation of chromosomal types, 5. the variation of the ratio between the longest and the shortest chromosomes in the karyotypes, 6. the distribution frequencies of dicentric chromosome and B-chromosome. As a result of the investigation, the karyotypical and chromosomal polymorphism were caused by structural aberration of chromosomes in the population. The dicentric chromosome, B-chromosome and micronucleus were considered as the products of structural aberration, and the proof of structural aberration. It follows from the above considerations that the karyotype of *N. mairei* is not tending towards stability, which is the same with that of *N. forrestii*, and its chromosome is in stronger aberration of structure. The chromosomal aberration is an important factor which results in the karyotypical and chromosomal polymorphism, and is the basis of chromosome inheritance whihc results in the morphological polymorphism. The population not only shows rich polymorphism in its karyotypes and chromosomes but also appears rich polymorphism in its phenotypes. The structural aberration is one way of karyotypical differentiation in the population, and at the same time, is an important hereditary factor in the intraspecific differentiation in *N. mairei*.

Key words Cangshan Mountains, *Nomocharis mairei,* Population, Karyotype, Chromosome, Polymorphism

宽瓣豹子花(*Nomocharis mairei* Lévl.)是一个分类上有争议的种，Balfour[1], Evans[2], Woodcock et Stearn[3], Sealy[4,5], 汪发缵和唐进[6], 吴征镒[7]等把它作为一个独立的种，而梁松筠[8]则把它归并入豹子花(*N. pardanthina* Franch.)，许介眉[9]和谢晓阳等[10]同意该归并。Darlinton[11]和谢晓阳等[10]报道过该种的核型，并发现存在染色体结构变异。笔者研究发现该种不仅形态特征多态现象丰富多彩，其核型和染色体的多态现象也十分突出。本文以常规染色体技术和统计方法研究云南大理苍山宽瓣豹子花核型和染色体的多态性，试图揭示其变异式样。

材料与方法

本文标本的鉴定仍采用中国植物志14卷和云南植物名录分类系统[6,7]。研究材料的来源见表1。凭证标本保存在云南大学生物系标本室。

表1 宽瓣豹子花材料来源

Table 1 The origin of the plant material in *N. mairei* Lévl.

产 地 locality	海 拔 altitudes (m)	生 境 habitats	标本号 vouchers
云南大		常绿阔叶萌生灌丛	YH 8806081
理苍山	2700—3500	杜鹃箭竹灌丛	YH 890603
中和峰		冷杉林缘	YH 1-92712

取鳞茎和种子萌发的新生根尖，用0.05%的秋水仙素碱溶液在5—6℃条件下预处理

24 h，然后用卡诺液在 5—6℃条件下固定 12 h。水洗后，在室温下（约 20℃）用 1 mol／L HCl 解离 10 min，改良苯酚品红液染色，压片，观察。

取材个体 30 株，统计完好有丝分裂中期分裂相 25 个。染色体类型按 Levan [12] 方法分析。核型类型根据 Stebbins [13] 的分类标准划分。核型不对称系数 (As. K.% = 长臂总长 / 全组染色体总长) 按 Arano [14] 的方法，比值愈大，愈不对称。同源染色体配对从长到短顺序排列，并以核型 A 和 B 为参照。染色体统计按常规统计学方法 [15]。

观察结果

核型多态性

(1) 核型 A　图 1：A，　图 7：A

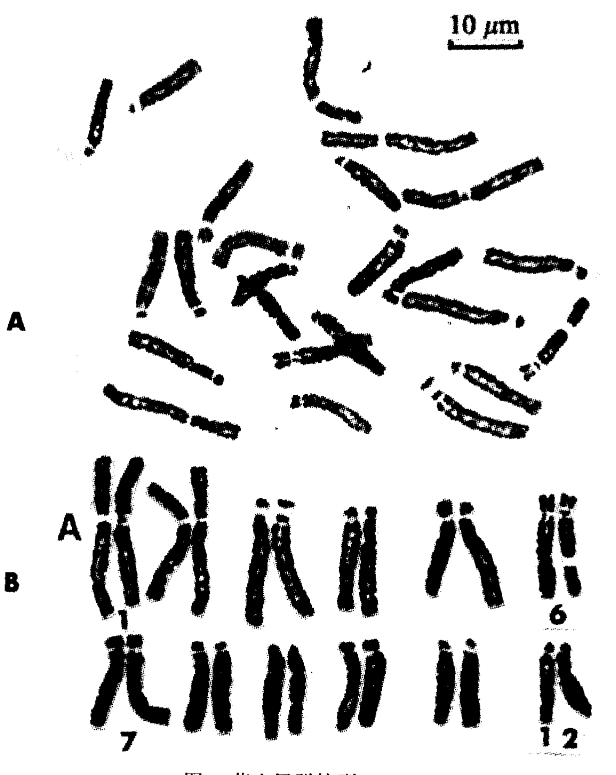


图 1 苍山居群核型 A

Fig. 1 Karyotype A in the population from Cangshan Mountains

核型公式 2n = 24 = 2m(2SAT)+2sm+2st(2SAT)+2st(4SAT)+4st+10t. 染色体组实际长度为 175.0 μm，最长染色体 23.37 μm，最短染色体 9.89 μm，染色体长度比为 2.36, As. K.% 为 81.2。核型中，第 1 和 2 对染色体分别为 m 和 sm，其中第 1 对染色体短臂紧靠着丝点处有一居间随体。第 3, 5, 6 和 10 对染色体均为 st，其中第 3 对染色体短臂上有一明显次缢痕，第 6 对染色体长臂和短臂上分别有一个次缢痕。其余 5 对染色体均为 t。核型中除第 1 对两同源染色体长臂相差约 2.93 μm 和第 5 对两同源染色体长臂相差约 1.85 μm 外，其余两同源染色体的大小、形态和结构较为相似，杂合性相对较小。

(2) 核型 B　图 2：B，图 7：B

核型公式 2n = 24 = 4m+2st(2SAT)+2st(3SAT)+8st+8t. 染色体组实际长度为 153.52 μm，最长染色体 19.01 μm，最短染色体 8.87 μm，染色体长度比为 2.16, As.K.% 为 80.17。核型中，第 1 和 2 对染色体均为 m，且第 1 对染色体无居间随体或次缢痕。第 3、5、6、7 和 10 对染色体均为 st。其中第 3 对染色体短臂上仍有明显的次缢痕；第 6 对染色体长臂上仍有明显次缢痕，但一条同源染色体短臂上保留有一次缢痕，而另一条同源染色体短臂在次缢痕处或附近发生断裂后缺失或不等易位，次缢痕消失，短臂减少片段约

1.49 μm。第 8 对一条同源染色体为 t，另一条则变异为 st。第 12 对一条同源染色体为 t，另一条变异为 st。第 4 对两同源染色体明显不等长，两者相差约 1.88 μm。第 9 对两同源染色体也明显不等长，一条同源染色体长臂易位加长约 1.98 μm。

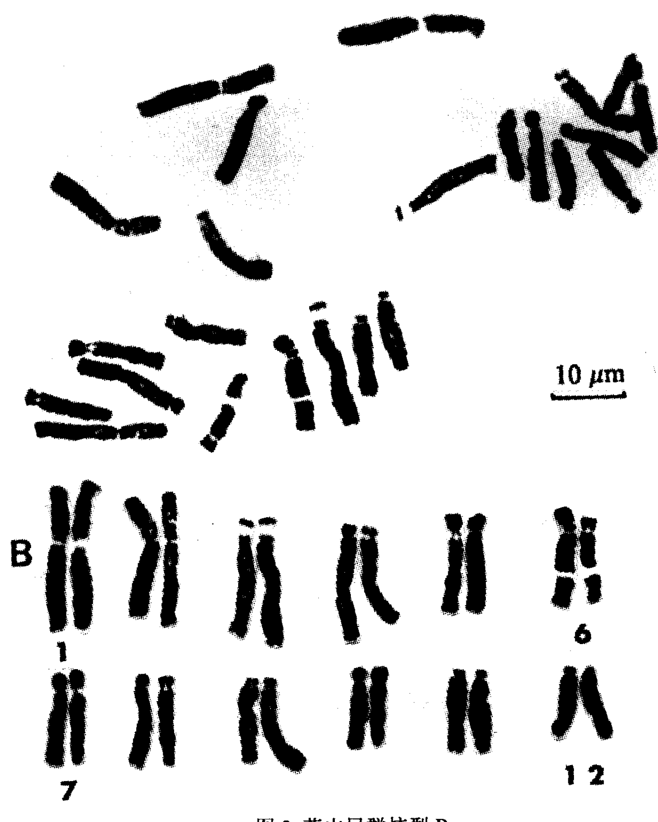


图 2 苍山居群核型 B

Fig. 2 Karyotype B in the population from Cangshan Mountains

(3) 核型 C 图 3：C， 图 7：C

核型公式 2n＝24＝3m+sm+2st(2SAT)+2st(2SAT)+6st+10t. 染色体实际长度为 137.05 μm，最长染色体为 18.76 μm，最短染色体为 7.71 μm，染色体长度比为 2.43, As.K.% 为 79.78。核型中，第 1 对染色体为 m；第 2 对一条同源染色体为 m，另一条同源染色体为 sm，且两同源染色体长臂相差实际长度约 1.62 μm；第 3 对染色体为 st，其短臂上有一次缢痕，易断裂；第 6 对染色体为 st，其长臂上有一次缢痕；第 7、8 和 10 对染色体均为 st；第 4、5、9、11 和 12 对染色体均为 t，第 5 和 12 对其两同源染色体长臂不等长，分别相差实际长度 1.43 μm 和 0.95 μm.

(4) 核型 D 图 4：D， 图 7：D

核型公式 2n＝24＝4m + 2st (2SAT) + 5st + 1t (SAT) + 12t. 染色体组实际长度为 149.90 μm，最长染色体为 19.60 μm，最短染色体为 9.4 μm，染色体长度比为 2.09, As.K.% 为 81.69。核型中，第 1 和第 2 对染色体均为 m，无次缢痕。第 3 对染色体变异为 t，短臂上无次缢痕。第 4 对染色体为 t，但一条同源染色体长臂近端部有一次缢痕，另一条则无，呈现结构杂合性。第 5 对一条同源染色体因长臂易位加长变异为 t，另一条

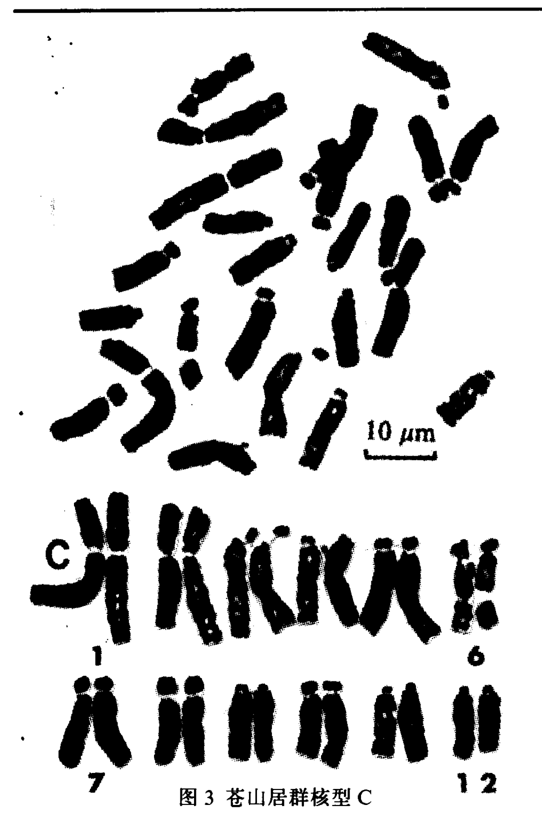


图 3 苍山居群核型 C

Fig. 3 Karyotype C in the population from Cangshan Moutains



图 4 苍山居群核型 D

Fig. 4 Karyotype D in the population from Cangshan Mountains

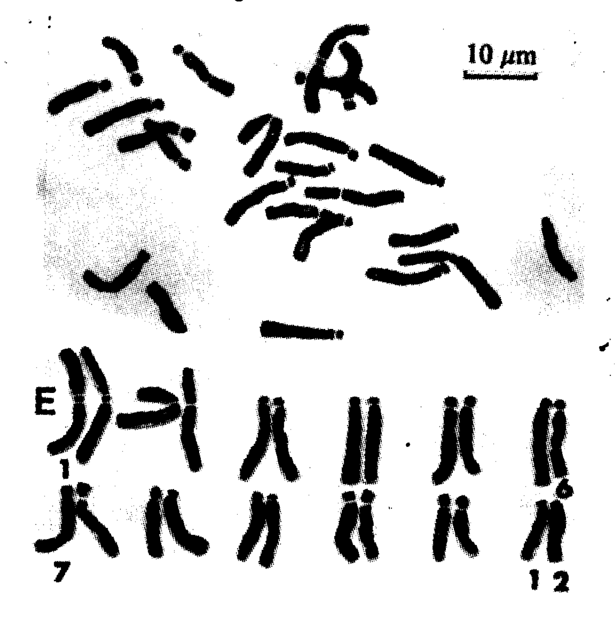


图 5 苍山居群核型 E

Fig. 5 Karyotype E in the population from Cangshan Mountains

仍为 st。第 6 对染色体仍为 st，长臂上仍有明显的次缢痕，但短臂上已无次缢痕，且由于不等易位或缺失长臂显著变短，大约变短 2.18 μm。第 7 对染色体为 st，但一条同源染色体长臂与另一条的相比，变短大约 1.90 μm。第 10 对染色体仍为 st。第 8、9、11 和 12 对染色体均为 t。

（5）核型 E 图 5:E，图 7:E

核型公式 2n=24=2m(2SAT)+2m+2st(2SAT)+10st+8t. 染色体组实际长度 123.55 μm，最长染色体为 15.50 μm，最短染色体为 7.40 μm，染色体长度比为 2.10, As.K.% 为 80.05。核型中，

第 1 和 2 对染色体均为 m，其中第 1 对染色体短臂紧靠着丝点处有一明显居间随体。第 3 对染色体变异为 t，短臂上无次缢痕。第 6 对染色体为 st，短臂上无次缢痕，长臂上仍有次缢痕。第 5、7、8、10 和 11 对染色体均为 st，第 3、4、9 和 12 对染色体均为 t。其中第 5 对两同源染色体明显不等长，相差约 2.30 μm。

（6）核型 F 图 6：F，图 7：F

核型公式 2n＝24＝2m(2SAt)+1m+1sm+2st(2SAT)+1st(SAT)+1st(SAT)+6st+10t. 染色体组实际长度为 162.58 μm，最长染色体为 21.22 μm，最短染色体为 10.14 μm，染色体长度比为 2.09，As.K.% 为 80.65。核型中，第 1 对染色体为 m，短臂紧靠着丝点处有一明显居间随体。第 2 对一条同源染色体为 sm，另一条为 m，且因为易位而加长，故两同源染色体不等长，相差约 5.16 μm。第 3 对染色体为 st，短臂有明显次缢痕，且长臂变短约 2.89 μm。第 5 对一条同源染色体短臂上有一次缢痕，另一条则无，呈现结构杂合性。第 6 对染色体短臂无次缢痕，一条同源染色体长臂上仍保留有明显次缢痕，另一条因长臂在次缢痕处或附近断裂，并与其它染色体发生不等易位，变短约 1.88 μm，且次缢痕丢失。因不等易位，第 3、5、6、7 和 10 对染色体明显变短，而第 4、8、9 和 11 对染色体明显变长。

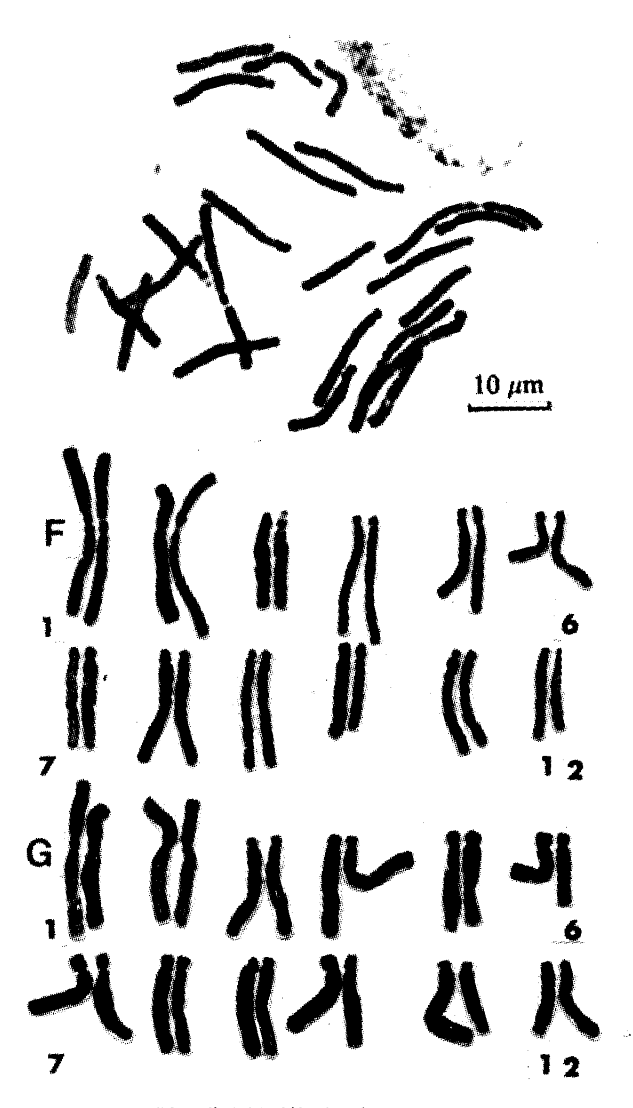


图 6 苍山居群核型 F 和 G

Fig. 6 Karyotype F and G in the population from Cangshan Mountains

（7）核型 G 图 6：G，图 7：G

核型公式 2n＝24＝2m(2SAT)+2m+10st+1t. 染色体组实际长度为 133.41 μm，最长染色体长为 18.02 μm，最短染色体长为 8.28 μm，染色体长度比为 2.18, As.K.% 为 81.23。核型中，第 1 和第 2 对染色体均为 m，其中第 1 对染色体短臂紧靠着丝点处有一居间随体，且两同源染色体不等长，相差约 3.36 μm。第 3 对染色体短臂上无次缢痕。第 6 对染色体长短臂上均无次缢痕，因不等易位或缺失，长臂变短约 2.10 μm。第 5、6、7、8 和 10 对

染色体为 st，第 3、4、9、11 和 12 对染色体为 t。

2. 染色体多态性

从上述研究可以看出，宽瓣豹子花核型多态性具体表现为染色体多态性。染色体多态性又具体表现为染色体的大小、形态和结构的变异性。

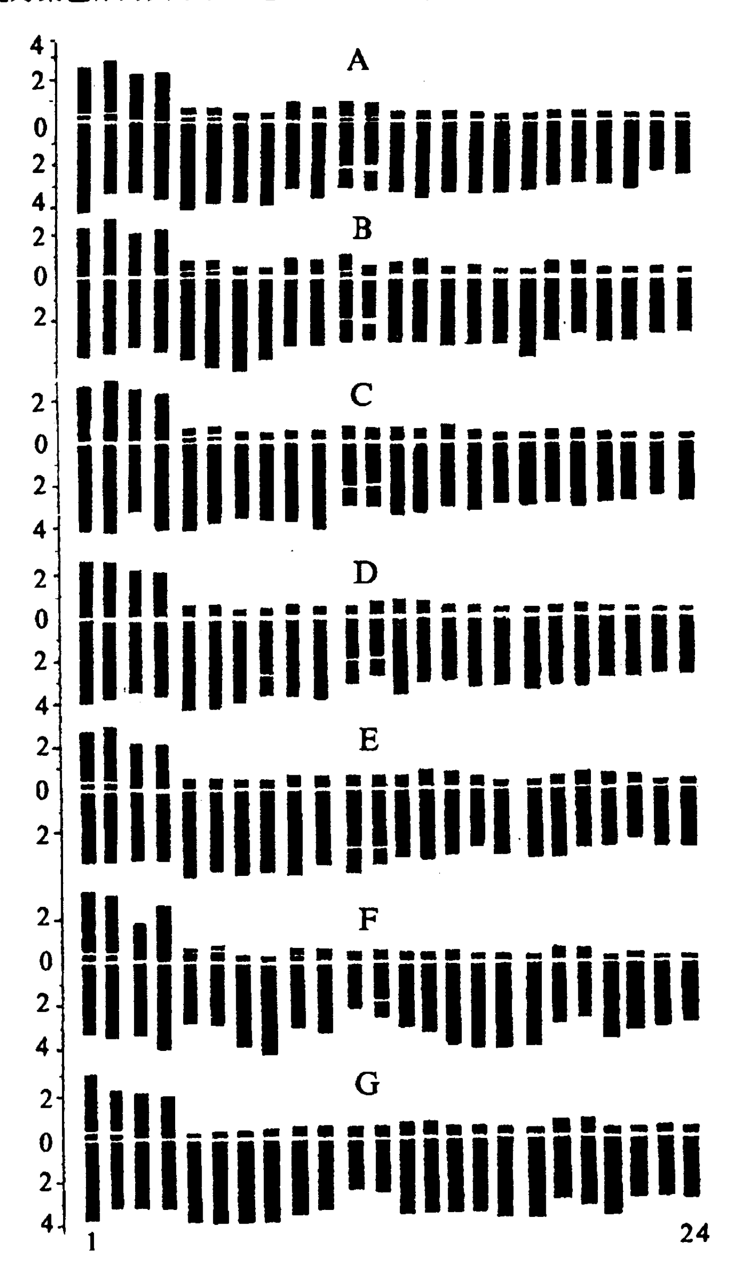


图 7 苍山居群核型模式图

Fig. 7 Idiograms in the population from Cangshan Mountains

(1) 同源染色体大小异形呈现杂合性

统计研究发现，宽瓣豹子花居群中两同源染色体长度普遍存在不同程度的差异，从而

呈现程度各异的杂合性。其中两同源染色体长度之差＞1.50 μm 者，以第 1、2、3、4 和 6 对染色体出现频率较高，均＞36%；其余染色体出现频率较低，＜24%，特别是第 10 和 11 对染色体出现频率最低，仅有 4%。表 2 说明居群中第 10 和 11 对两同源染色体绝大多数大小相等。而第 1、2、3、4 和 6 对两同源染色体普遍大小异形，而呈现出程度不同的杂合性。

研究表明，居群中第 1、2、3、4 和 6 对染色体的变异极为丰富，呈现出较突出的染色体多态性。

（2）染色体相对长度的变异

在苍山居群中，宽瓣豹子花染色体组中每一对染色体的相对长度（%）均有一个较大的变异范围，其中第 1、2、3、4、6、和 8 对染色体相对长度变异范围较大，它们的最长相对长度与最短相对长度的差值＞1.75，且它们的标准差 s＞0.37。居群中，第 1、2、3、4 和 6 对染色体的变异系数较大，即 cv＞0.100。详见表 3。可见，居群中第 1、2、3、4、6 和 8 对染色体相对长度变异较为突出，多态性丰富。

表 2 苍山居群中两同源染色体长度之差的统计

Table 2 The statistics on the length difference between two homologous chromosomes in the population from Cangshan Mountains

细胞数 cell number	两同源染色体长度之差 length difference between two homologous chromosomes ＞ 1.50 μm		染色体序号 number of chromosomal pair											
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
25	频数	number	13	10	10	13	6	9	4	4	4	1	1	3
	频率	frequency (%)	52	40	40	52	24	36	16	16	16	4	4	12

表 3 苍山居群中染色体相对长度的变异统计

Table 3 The statistics on the variation of the relative length of chromosomes in the population from Canshan Mountains

染色体序号 number in the pair	细胞数 cell number	染色体数 chromosome number	最长相对长度 the longest relative length (%)	最短相对长度 the shortest relative length (%)	平均相对长度 the mean relative length (%)	标准差 S	变异系数 CV
1	25	50	8.83	5.12	6.33	0.63	0.100
2	25	50	6.79	3.32	5.46	0.58	0.106
3	25	50	5.03	3.28	4.27	0.45	0.106
4	25	50	6.17	2.91	4.38	0.49	0.111
5	25	50	4.99	3.55	4.20	0.35	0.083
6	25	50	4.61	2.16	3.77	0.51	0.136
7	25	50	4.45	2.96	3.81	0.29	0.076
8	25	50	5.13	3.20	3.89	0.37	0.094
9	25	50	4.56	3.13	3.86	0.34	0.089
10	25	50	4.13	2.68	3.45	0.32	0.093
11	25	50	4.23	2.78	3.41	0.34	0.100
12	25	50	4.25	2.56	3.14	0.27	0.084

（3）染色体臂比值（长臂／短臂）的变异

研究表明，居群中染色体的臂比值（长臂／短臂）的变异也较为突出。如表 4 所示，

依据平均臂比划分染色体，第 3、4、8、9、11 和 12 对染色体为 t 型，它们的臂比值变异范围和变异系数均最大；第 5、6、7 和 10 对染色体为 st 型，它们的臂比值变异范围和变异系数居中；第 1 和第 2 对染色体其变异范围和变异系数最小。若 t 型同类染色体相比较，第 3 和第 8 对染色体其变异系数最大，其臂比变异突出。若 st 同类染色体相比较，第 5 对染色体其变异系数最大，其臂比变异明显。若 m 型同类染色体相比较，第 1 对染色体其变异系数最大，其臂比变异显著。

（4）染色体类型的变异

上述研究表明，染色体组中每对染色体的臂比值变异较为突出。因此，居群中每对染色体的类型就不可能为一种，可能有 2 种或 3 种，而且每种类型的出现频率也不相同。如表 5 所示，居群中，第 1 对染体约 94%的为 m 型，约 6%的为 sm 型；第 2 对染体约 64%的为 m 型；约 36%的为 sm 型；第 3 对染色体约 64%的为 st 型，约 36%的为 t 型；第 4 对染色体约 88%的为 t 型, 约 12%的为 st 型；第 5 对染色体约 76%的为 st 型，约 24%的为 t 型；第 6 对染色体约 94%的为 st 型，约 6%的为 t 型；第 7 对染色体约 94%的为 st 型，约 6%的为 t 型；第 8 对染色体约 58%的为 t 型，约 42%的为 st 型；第 9 对染色体约 98%的为 t 型，约 2%的为 st 型；第 10 对染色体约 90%的为 st 型，约 10%的为 t 型；第 11 对染色体约 90%的为 t 型，约 10%的为 st 型；第 12 对染色体约 76%的为 t 型，约 24%的为 st 型。

表 4 苍山居群中染色体臂比值（长臂／短臂）的变异统计

Table 4 The statistics on the variation of arm ratio (long / short) of chromosomes in the population from Cangshan Mountains.

染色体序号 number in the pair	细胞数 cell number	染色体数 chromosome number	最大臂比值 the longest arm ratio	最小臂比值 the smallest arm ratio	平均臂比值 the mean arm ratio	标准差 S	变异系数 CV
1	25	50	1.87	1.01	1.35	0.22	0.165
2	25	50	2.50	1.32	1.67	0.25	0.150
3	25	50	13.67	3.26	7.14	2.69	0.377
4	25	50	18.18	5.72	10.28	2.69	0.261
5	25	50	13.00	3.10	6.18	2.13	0.345
6	25	50	10.00	3.03	4.97	1.44	0.290
7	25	50	8.46	3.21	5.07	1.22	0.243
8	25	50	14.00	3.79	7.56	2.76	0.366
9	25	50	19.80	4.44	11.07	2.83	0.255
10	25	50	9.09	3.27	5.35	1.66	0.310
11	25	50	20.00	3.93	9.81	3.12	0.318
12	25	50	20.00	3.33	8.89	2.99	0.337

表 5 苍山居群中染色体类型的变异统计

Table 5 The statistics on the variation of chromosome types in the population from Cangshan Mountains.

细胞数 cell number	染色体数 chromosome number	染色体类型 chromosome type	染色体序号 number in the pair 1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
			频数／频率 number / frequency (%)											
25	50	m	47 / 94	32 / 64										
		sm	3 / 6	18 / 36										
		st			32 / 64	6 / 12	38 / 76	47 / 94	47 / 94	21 / 42	1 / 2	45 / 90	5 / 10	12 / 24
		t			18 / 36	44 / 88	12 / 24	3 / 6	3 / 6	29 / 58	49 / 98	5 / 10	45 / 90	38 / 76

表 6 苍山居群中染色体长度比值的变异统计

Table 6 The statistics on the variation of the ratio between the longest and shortest chromosomes in the karyotypes in the population from Cangshan Mountains

细胞数 cell number	最大染色体长度比 the longest ratio	最小染色体长度比 the smallest ratio	平均染色体长度比 the mean ratio	标准差 S	变异系数 CV
25	3.72	1.85	2.33	0.40	0.170

（5）染色体长度比值的变异

染色体长度比值为核型中最长染色体与最短染色体的长度之比。居群在该比值变异

大,说明不同核型的最长和最短染色体的长度有明显的差异。如表 6 所示，苍山居群中该比值变异范围很大，即 3.72—1.85；该比值的变异情况表示为 $\bar{x} \pm s = 2.33 \pm 0.40$, cv = 0.170.

表 7 苍山种子居群中双着丝粒染色体和 B 染色体的分布频率

Table 7 The frequency of dicentric chromosome and B-chromosome in the seed population from Cangshan Mountains.

种子数 seed number	细胞数 cell number	双着丝粒染色体 dicentric chromosome 频数 number	频率 frequency (%)	B 染色体 B-chromosome 频数 number	频率 frequency (%)
30	125	4	3.2	1	0.8

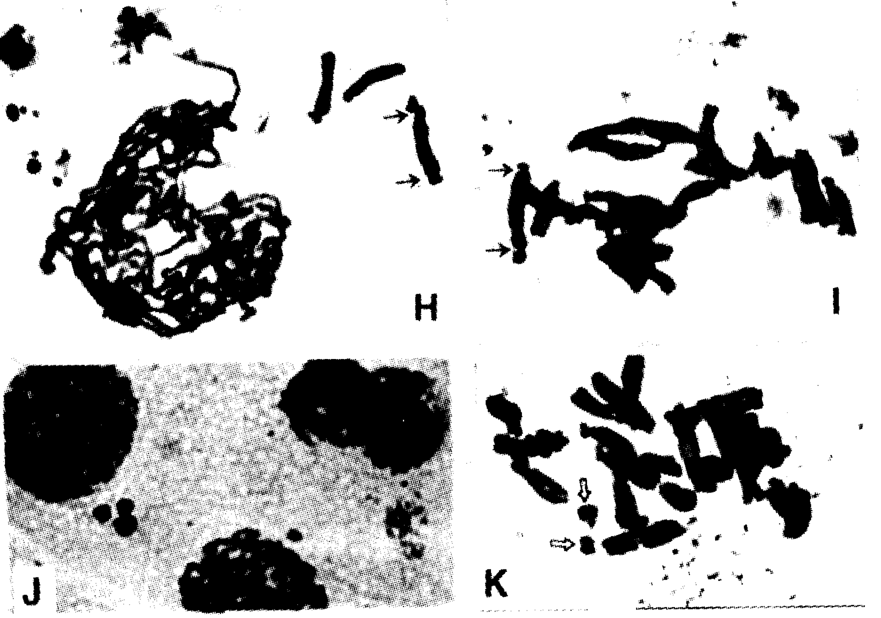


图 8 双着丝粒染色体、B 染色体和微核

Fig. 8 Showing the dicentric chromosome, B-chromosome and micronuclei. H and I. showing dicentric chrosome, J. showing micronuclei in the telophase of mitosis K. showing B-chromosomes

（6）双着丝粒染色体和 B 染色体　图 8：H, I, K

在宽瓣豹子花种子根尖大约有 3・2%的有丝分裂中期细胞中发现有双着丝粒染色体，大约 0・8%的有丝分裂中期细胞中发现 B 染色体。但是，在二年生以上的鳞茎根尖中均未发现这两种染色体。

讨　论

1. 宽瓣豹子花核型与滇蜀豹子花 (*N. forrestii* Balf.f.) 的相似[16]。2n＝24, 第 1 和 2 对染色体为 m 或 sm，苍山居群中近 60%的第 1 对染色体其短臂紧靠着丝粒附近有一居间随体。据统计，通常第 3、5、6、7 和 10 对染色体为 st，第 4、8、9、11 和 12 对染色体为 t。其中，第 3 和 6 对染色体短臂上发现有次缢痕，第 6 对染色体长臂上还有一明显的次缢痕。与滇蜀豹子花核型比较，宽瓣豹子花多 1 对 st 少 1 对 t，在 t 染色体上未发现次缢痕；滇蜀豹子花在 st 染色体短臂上未发现次缢痕，2 对 st 染色体长臂上有次缢痕，且 1 对 t 染色体长臂上有次缢痕。宽瓣豹子花核型与滇蜀豹子花的一样，均为较不对称的 3B 型。

2. 宽瓣豹子花核型具有明显的多态性。表现为两个方面：（1）居群中核型不对称系数 (As.K.%) 变异突出, 变异范围 77.40—84.26, 如表 8 所示, 苍山居群的核型不对称系数统计表示为 $\bar{x} \pm s = 80.48 \pm 1.51$, cv＝0.019. 谢晓阳等[10]所研究的豹子花属、百合属 (*Lilium*) 和贝母属 (*Fritilaria*) 的 12 个分类群的核型不对称系数，其变异范围 79.9—82.2, 将其核型不对称系数统计表示为 $\bar{x} \pm s = 81.20 \pm 0.73$, cv＝0.009。由此看来，苍山宽瓣豹子花居群的核型不对称系数的变异确实很大。（2）苍山居群中，核型多态性具体表现为不同个体的不同核型, 其第 1、2、3、4、6 和 8 对染色体在相对长度、两同源染色体杂合性、臂比值及染色体类型、次缢痕等特征方面不相同。也就是说，苍山居群中由于第 1、2、3、4、6 和 8 对染色体变异突出，从而使其核型表现出多态性。

表 8　苍山居群中核型不对称系数的变异统计

Table 8　The statistics on the variation of As.K.(%) in the population from Cangshan Mountains.

细胞数 cell number	最大核型不对称系数 the largest As.k. (%)	最小核型不对称系数 the smallest As.K. (%)	平均核型不对称系数 the mean As.K. (%)	标准差 S	变异系数 CV
25	84.26	77.40	80.48	1.51	0.019

3. 宽瓣豹子花核型多态性具体表现为染色体多态性。染色体多态性具体又反映在以下几方面：（1）同源染色体大小异形呈现不同程度的杂合性。苍山居群中第 1、2、3、4 和 6 对两同源染色体杂合性出现频率较高，且不同个体的不同核型其杂合程度也各不相同。整个百合群几乎所有的同源染色体都表现出不同程度的大小异形和结构异形，而呈现不同程度的杂合性。这是百合群的普遍现象。（2）染色体相对长度的变异突出。苍山居群中不同个体的不同核型，每一对染色体的相对长度（%）均有较大的变异，其中第 1、2、3、4、6 和 8 对染色体变异最突出，多态性最丰富。特别是第 3 和 6 对染色体，在其短臂或长臂的次缢痕附近经常发生断裂，继而发生缺失、倒位或易位，故染色体相对长度（%）的变异极大。苍山居群中这两对染色体若按长度大小排序，在核型中的位置变动也极大。由于这两对染色体经常发生缺失、倒位或易位，致使其它染色体的相对长度也受其

影响，跟随其变异而变异。特别受其影响的是第1、2、4、8或10对染色体。当然，核型中所有的染色体结构变异是相互牵制的。(3) 染色体臂比值及其类型变异较大。因臂比值变异较大，苍山居群中每对染色体均有两种或两种以上的类型，甚至同一核型中两同源染色体分别为两种不同的类型而呈杂合性。苍山居群中第2、3和8对染色体两种类型各占约40—60%。(4) 苍山居群中不同核型的最长染色体与最短染色体的长度之比有明显的差异。该比值变异范围为3.72—1.85，变异统计 $\bar{x} \pm s = 2.33 \pm 0.40$， $cv = 0.170$。谢晓阳等[10]研究的豹子花属及其近缘属的12个分类群的该比值变异范围2.0—2.6，变异统计经笔者整理为 $\bar{x} \pm s = 2.12 \pm 0.16, cv = 0.077$。所以，苍山宽瓣豹子花居群的染色体长度比值，无论是与平均值的偏离，还是变异系数，均显得非常大。(5) 双着丝粒和B染色体的存在。宽瓣豹子花种子萌发根尖的细胞中发现有双着丝粒染色体，但频率较低，约3·2%。且在2年生以上的鳞茎萌发根尖的细胞中未曾发现。滇蜀豹子花在种子和多年生鳞茎萌发的根尖细胞中均发现有双着丝粒染色体，且频率不低于5%[16]。双着丝粒染色体是结构变异的产物[17]。这两种豹子花体细胞中的双着丝粒染色体的产生与生殖细胞中的双着丝粒染色体的产生有所不同。后者是在减数分裂中臂内倒位或易位的染色体与同源染色体配对和互换而产生[18]。前者推测是在有丝分裂过程中臂内倒位或易位的染色体与同源染色体配对和互换所产生，属于体细胞同源染色体交换。在种子萌发根尖的细胞中还发现有B染色体存在，频率极低，不到1%。作者认为它与滇蜀豹子花中的B染色体一样，也是染色体结构变异的产物。

研究中发现有丝分裂后期或末期细胞中有微核存在（图8：J)。微核是染色体结构变异过程缺失的染色体片段在后期或末期细胞中的残留形式。在滇蜀豹子花有丝分裂后期或末期细胞中也经常发现微核[16]。

上述染色体特征的多态性均为染色体结构变异所致。结构变异则主要是通过染色体断裂、缺失、易位、倒位、体细胞同源染色体的不等互换等而发生。研究中所观察到的双着丝粒染色体、B染色体和微核（图8）正是染色体结构变异的证据。

综上所述，宽瓣豹子花与滇蜀豹子花一样，核型尚未趋于稳定，染色体还处于较强烈的结构变异之中。染色体结构变异是苍山居群中核型和染色体多态性形成的重要原因，也是其形态多态性形成的染色体遗传基础。因而苍山宽瓣豹子花居群不仅核型和染色体，而且其形态特征均表现出丰富的多态性。所以，我们认为染色体结构变异是苍山宽瓣豹子花居群内核型分化的一条重要途径，同时也是宽瓣豹子花种内分化的重要遗传基础。

参考文献

〔1〕Balfour I B. The genus Nomocharis. *Trans Bot Soc Edinb*, 1918, 27: 273—300.

〔2〕Evans W E. A revision of the genus Nomocharis. *Notes Bot Gard Edinb*, 1925, 15: 1—46, tt. 199—212.

〔3〕Woodcock H B O, Stearn W T. Lilies of the world. London: Country life Limited. 1950.

〔4〕Sealy J R. Nomocharis and Lilium. *Kew Bull*, 1950: 273—297.

〔5〕Sealy J R. Nomocharis pardanthina. *Notes Bot Gard Edinb*, 1978, **36**(2):293—296.

〔6〕汪发缵，唐进. 中国植物志第14卷. 北京：科学出版社，1980: 159—164.

〔7〕吴征镒主编. 云南种子植物名录. 昆明：云南人民出版社，1984: 1929—1930.

〔8〕梁松筠. 豹子花属的研究. 植物研究, 1984, **4**(3): 163—177.

〔9〕许介眉, 杨光辉, 刘代明等. 四川植物志第7卷. 成都: 四川民族出版社, 1991: 120—124.

〔10〕谢晓阳, 顾志健, 武全安. 豹子花属及其近缘属细胞学研究. 植物分类学报, 1992, **30**(6): 487—497.

〔11〕Darlington C D, Wylie A P. Chromosome Atlas of Flowering Plants. London: George Allen Uniwin LTD, 1955: 358—359.

〔12〕Leven A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 1964, **52:** 201—220.

〔13〕Stebbins G L. Chromosomal evolution in higher plants. London: Edward Arnold, 1971. 87—90.

〔14〕Arano H. Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan, Ⅸ. The karyotype analysis and phylogenetic consideration on Pertya and Ainsliaea (2). *Bot Mag Tokyo*, 1963, **76:** 32—39.

〔15〕杜荣骞. 生物统计学. 北京: 高等教育出版社, 1990. 10—23.

〔16〕虞 泓, 黄瑞复. 滇蜀豹子花核型及其变异研究. 植物分类学报, 1994, **32**(4): 301—307.

〔17〕Sculz-Schaeffer J. Cytogenetics, Plants, Animals, Humans. New York:Springer-Verlag, 1980.

〔18〕Merrell D J. Ecological Genetics. London: Longman, 1981. 199—214.